

Válasz Dr. Melika George opponensi véleményére

Először is, szeretném megköszönni Dr. Melika George opponensi munkáját, dolgozatommal kapcsolatos észrevételeit, méltató szavait, és hogy az értekezést nyilvános vitára javasolja.

A bírálóm kérdéseire az alábbiakban, pontokba szedve kívánok válaszolni.

- 1. Talán meg lehetett volna oldani egy egységes anyag és módszer fejezet megírását. Ezáltal megteremteni egy nagyobb egységességet sugalló dolgozat képét.*

Megértem opponensem véleményét az egységes módszertani rész hiányával kapcsolatban, én magam is igyekeztem módot találni erre, de végül a dolgozatom jellegéből adódóan az egyetlen érthető és követhető megoldás az maradt, hogy az eredmények fejezet minden egyes alfejezetéhez egy külön anyag és módszer szekciót társítsak. Az alábbiakban részletezem, miért.

A dolgozatom témája a taxonómiai döntéshozás egyes elemeinek automatizálására szolgáló, morfometrikus adatokon alapuló statisztikai lehetőségek fejlesztéséről, illetve azok gyakorlati alkalmazásáról szól. Az eredményeim tárgyalását több, egymástól lényegesen eltérő megközelítést alkalmazó tudományos munkán keresztül mutatom be, melyek közül kettő kifejezetten módszertani vonatkozású, három további pedig azok gyakorlati alkalmazását mutatja be konkrét taxonómiai projektek megvalósításán keresztül. Eme utóbbi fejezetek módszertani bemutatásában az első két fejezet anyaga (melyek a saját eredményeimként születtek) tehát benne kell legyen.

Nem találtam megfelelően egységes módot arra, hogyan lehetne összevonni az anyag és módszer fejezeteket úgy, hogy az ugyanúgy releváns legyen a tisztán módszertani céllal összeállított 5.1 és 5.2 fejezetekhez, mint az azt gyakorlatban alkalmazó taxonómiai munkákhoz (5.3-5.5 fejezetek). Ezért döntöttem úgy, hogy minden fejezet kap egy speciális anyag és módszer alfejezetet. Ezzel véleményem szerint a dolgozat sokkal követhetőbbé és érthetőbbé válik. Nem, vagy ritkán okoz felesleges duplikációt a módszertani megközelítések fejezetenkénti tárgyalása, mivel a dolgozat fejezeteiként olyan témákat választottam, ahol a NC-klaszterezés (lásd 5.2 fejezet) alkalmazhatóságát fejlesztettem tovább hozzáadott particionáló algoritmussal (5.4 fejezet), vagy a populációk egyedeinek méretnövekedésével párhuzamosan jelentkező markáns allometrikus változásai miatt jelentkező problémák kiküszöbölésére látunk egy példa-megoldást (5.5 fejezet). Ezeknél a munkáimnál a módszertani átfedés nem olyan nagy mértékű, ami zavaró lenne.

- 2. Másrészt a pályázó életművének bemutatására hivatott dolgozat anyagát döntően a karrierjének utolsó öt évének termékei adják. Ismerve a jelölt korábbi munkásságát (az MTMT adatbázisa szerint minden évben 2-5 cikke jelent meg a korábbi években is) talán érdemes lett volna a korábbi éveket jobban kiemelni.*

A doktori mű valóban az elmúlt tíz évben elért eredményeire fókuszál, a hangsúly a doktori fokozatom megszerzése utáni munkásságomon van, bár találhatunk kitekintést a korábbi időszakra vonatkozóan is. Azért döntöttem így, mert szerettem volna hangsúlyosan elkülöníteni a doktori fokozat előtti és utáni időszakot, ahogy az a Magyar Tudományos Akadémia aktuális kiírásában is – implicite – szerepel. Másrészt a doktori fokozatom megszerzése utáni időszakban döntően a módszertani kérdésekre fókuszáltam, ami lehetőséget adott egy jól körülhatárolható dolgozat elkészítésére. Ezzel lehetőségem volt pályafutásom egy eredményekben gazdag periódusát jól összefoglalni.

3. Miért írta a jelölt, hogy nem filogenetikai módszerről van szó? Lehet-e használni a kidolgozott módszert filogenetikai betekintésre, és ha igen, akkor esetleg milyen limitációkkal?

Az NC-klaszterezést alapvetően egy taxonómiai döntéshozást segítő módszerként definiálom. Erre lett kidolgozva, így is lett publikálva és az elvégzett tesztek során is erre fókuszáltam. Filogenetikai alkalmazását nem teszteltem. A filogenetikai döntéshozásra való alkalmazását, többek között azért sem javaslom, mert fenetikus módszer lévén – hasonlóan például sok más módszerhez, a PCA-hoz, vagy NMDS-hez – függ a mátrix elemeitől, azaz, ha új elemet adunk a bemenő adatokhoz, a kapott mintázat megváltozik.

A másik ok, ami miatt nem javaslom a módszerem filogenetikai használatát, hogy arra a célra rendelkezésre állnak nagyon jól működő molekuláris megközelítések. Az integratív taxonómia olyan vizsgálati stratégiát takar, amiben több, egymástól jól elkülöníthető bizonyítékgyűjtésből kialakuló megállapítást ötvöznak. Az ilyen vizsgálatok leggyakrabban molekuláris és morfológiai elemzésekben állnak össze. Egy jól kivitelezett morfológiai vizsgálat sor az integratív taxonómia egyik adatsoraként a modern biodiverzitás kutatás alapköve lehet, de véleményem szerint ehhez szükség van arra, hogy a megközelítések módszertanát ne keverjük.

Végezetül szeretném még egyszer megköszönni opponensem részletes bírálatát, fontos észrevételeit és kérdéseit, és eddigi munkám pozitív értékelését.

Budapest, 2019. 02. 11.

Csász Sándor